

# *Università degli Studi di Pisa*



## *Corso di Laurea Specialistica in Ingegneria Biomedica* **A.A. 2007-2008**

### *Tesi di Laurea Specialistica*

#### *Segmentazione di immagini biomediche con approccio “Dynamic Programming”*

#### Riassunto

*Candidato:*

*Gianluca Cammelli*

*Relatori:*

*Prof. Vincenzo Positano*

*Prof. Luigi Landini*

## *Riassunto*

Il problema della segmentazione automatica o semi-automatica delle immagini biomediche riveste grande importanza nel campo dell'imaging biomedico, in quanto rappresenta un passo fondamentale per l'analisi quantitativa delle immagini. La possibilità di implementare procedure di segmentazione efficaci dipende evidentemente dalla tipologia delle immagini che si vogliono analizzare.

In particolare sono importanti la risoluzione delle immagini e il rapporto segnale-rumore, parametri che definiscono la qualità intrinseca dell'immagine. Nella diagnostica medica la qualità dell'immagine è limitata dalla necessità di limitare il tempo di acquisizione e la quantità di radiazioni ionizzanti a cui viene sottoposto il paziente. Infatti può non essere opportuno esporre il paziente ad elevate intensità di radiazioni per ottenere una immagine radiologica digitale oppure TC con risoluzione e rapporto segnale-rumore elevati. Non è neppure possibile, in generale, utilizzare per tutti i pazienti apparecchi MRI ad elevato campo statico visto il costi elevati di tali apparecchiature e la scarsità di apparecchi di tale genere disponibili. Nella pratica clinica quindi le immagini saranno affette da vari tipi di rumore, da quello intrinseco al dispositivo di acquisizione fino a quello biologico dovuto alla trama interna dei vari organi e tessuti. Inoltre, come ulteriore complicazione, per chi come noi vuole segmentare una immagine, il contrasto tra tessuti vicini non sempre permette di differenziare in maniera semplice e veloce un tessuto da un altro.

Obbiettivo di questa tesi di laurea specialistica è risolvere alcuni dei problemi riguardanti la segmentazione delle immagini attraverso l'implementazione di un algoritmo di segmentazione che segua la logica di funzionamento del "*Dynamic Programming*".

Il Dynamic Programming è un approccio innovativo che negli ultimi anni è stato spesso utilizzato nella segmentazione di immagini biomediche, in particolare in immagini di MRI cardiaca per gli ottimi risultati forniti.

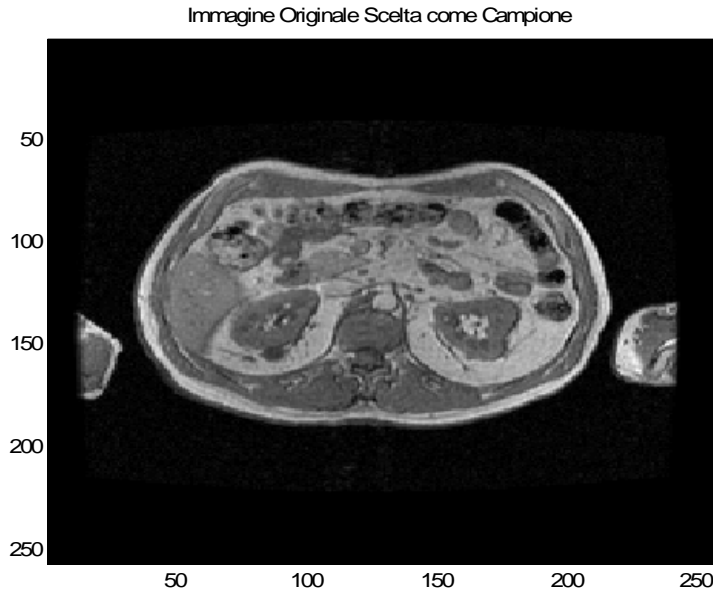
Questo approccio infatti riesce molto bene, al contrario delle altre metodologie di segmentazione, a segmentare tessuti con le medesime caratteristiche per quanto riguarda il segnale. Volendo fare un esempio, si può citare la segmentazione dei ventricoli del cuore. Tale parte anatomica infatti risulta ostica da segmentare con alcune procedure classiche di segmentazione in quanto i pixel che formano i due ventricoli appartengono al medesimo intervallo di valori.

Il dynamic programming, nel suo funzionamento, fonde insieme varie informazioni relative alla parte anatomica da segmentare e pesandole opportunamente riesce ad identificare il bordo dell'oggetto. Le informazioni di cui la procedura tiene conto possono essere di diverso tipo. Si possono infatti considerare informazioni relative al valore dei pixel nella scala di grigio, informazioni geometriche, informazioni di gradiente, informazioni frequenziali oppure anche di altro tipo ancora.

Nel presente lavoro di tesi, l'approccio dynamic programming è stato applicato ad immagini assiali di RMN addominale. Tali dataset di immagini raffigurano al loro interno la scansione completa dell'addome. Tra tutti i tessuti e gli organi presenti, grasso, muscolo, fegato, milza, intestino, reni si è in particolare deciso di testare l'algoritmo di segmentazione sui questi ultimi.

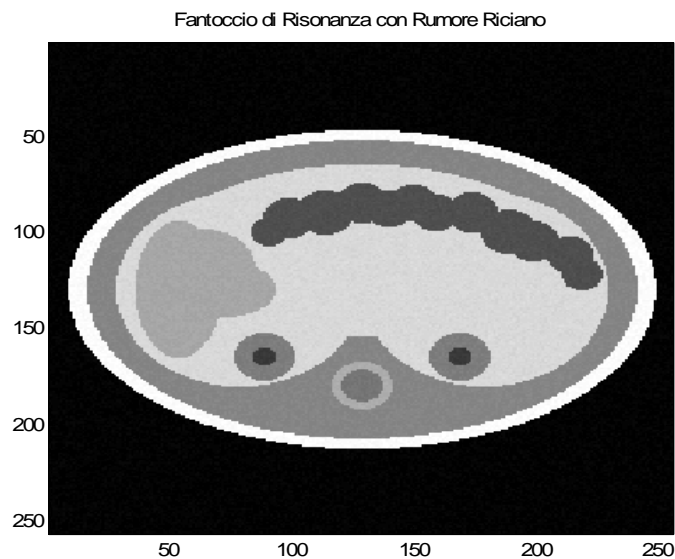
Prima di analizzare le immagini reali si è però deciso di realizzare un fantoccio di risonanza, che funzionasse da modello e che permettesse di verificare su una immagine di prova da noi creata e pertanto nota in ogni suo dettaglio la bontà dell'approccio intrapreso. Abbiamo cercato pertanto di creare un fantoccio più simile possibile all'immagine originale.

Preso una immagine campione (Fig 1) si sono rispettate le sue dimensioni, le sue geometrie, le posizioni, i valori dei pixel dei tessuti ed infine, cosa forse più importante le caratteristiche del rumore.



*Fig.1:Immagine addominale scelta come campione per il fantoccio*

Per riuscire in ciò si sono svolte misurazioni sull'immagine reale ed una approfondita indagine sul rumore. Tale indagine ha tenuto conto del fatto che la metodica di acquisizione delle immagini influenza notevolmente le caratteristiche di rumore.

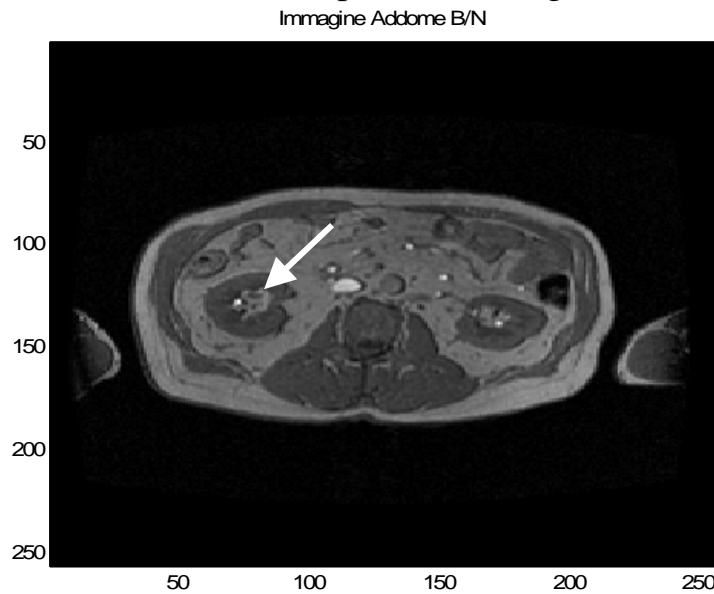


*Fig.2:Fantoccio di risonanza*

Essendo le immagini MRI affette da rumore di tipo Riciano si è aggiunto tale tipo di rumore alla immagine del fantoccio (Fig. 2).

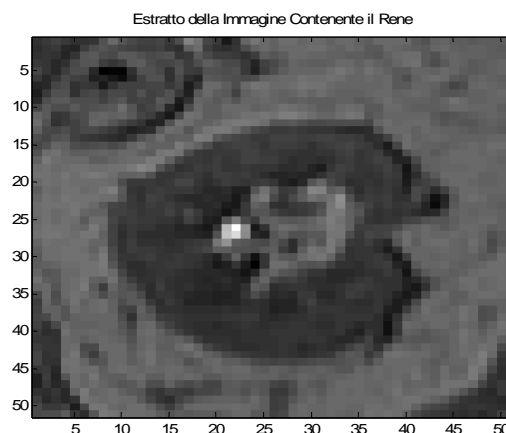
Vediamo ora il cuore della tesi e cioè l'algoritmo di segmentazione.

Il primo passo consiste nell'individuazione del centro dell'organo da segmentare. Essendo l'algoritmo semi-automatico è necessario che l'utente interagisca con la procedura di segmentazione fornendogli la posizione approssimativa del rene nel campo di vista (Fig 3).



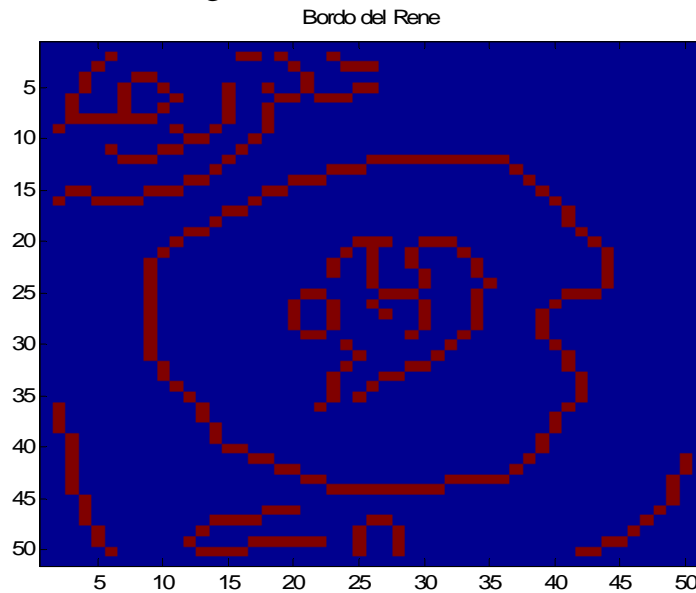
*Fig.3: Immagine addome*

Questa operazione ha come conseguenza l'estrazione di un riquadro dall'immagine contenente al suo interno appunto il rene stesso (Fig 4).



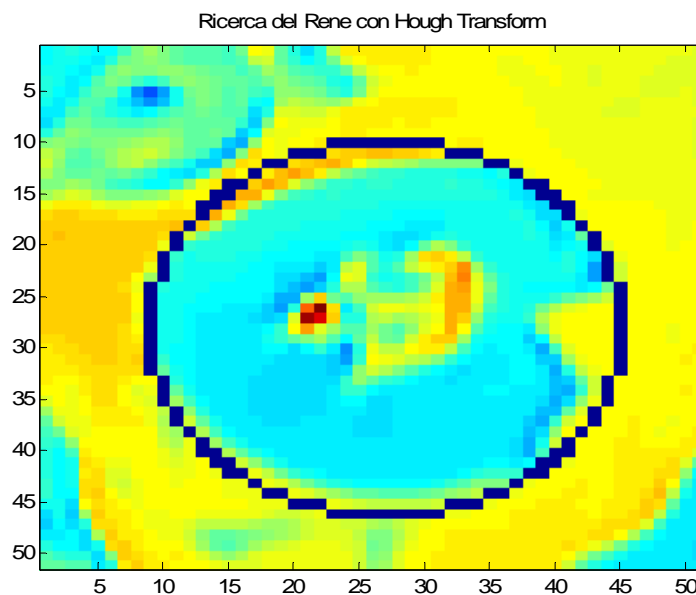
*Fig.4: Estratto dell'immagine addominale contenente il rene*

Questa operazione consente, in primis, di alleggerire e sveltire notevolmente le procedure di filtraggio e poi lavorando con un algoritmo di edge detection di ottenere una immagine che rappresenta i bordi approssimativi del rene (Fig 5).



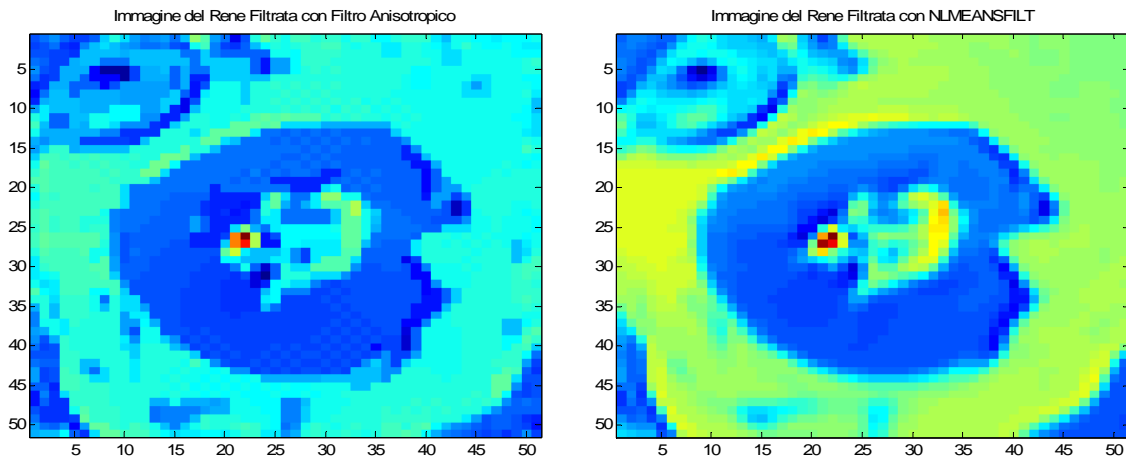
*Fig.5:Bordo del rene ottenuto con Edge-Detection*

All'immagine dei bordi viene applicata la trasformata di Hough, nella versione che permette di riconoscere figure circolari, ottenendo così le coordinate del centro e la misura del raggio del rene (Fig 6).



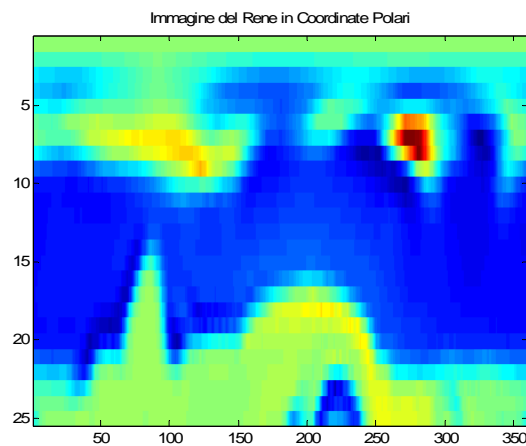
*Fig.6:Ricerca del rene con Hough Transform*

Con tali valori si può ricalibrare ulteriormente la dimensione del riquadro estratto in maniera che contenga tutto il rene e che quest'ultimo appaia in posizione centrale. A questo punto è possibile applicare l'algoritmo di filtraggio. Sono state implementate e verificate due tipologie di filtro: quello anisotropico e quello NL-Means (Fig 7).



*Fig.7:Filtraggi del riquadro: Anisotropico e NL-Means*

L'immagine filtrata viene ora trasformata da coordinate cartesiane a coordinate polari attraverso l'utilizzo di un apposito algoritmo che rende in uscita una immagine di dimensioni predefinite ( $\rho \times \alpha$ ) dove  $\rho$  rappresenta la coordinata radiale e  $\alpha$  quella angolare (Fig 8).



*Fig.8: Immagine del riquadro contenente il rene in coordinate polari*

Nella parte superiore troviamo una zona appartenente al rene, spostandoci verso il basso troviamo una regione di transizione, che chiameremo bordo, infine nella parte inferiore dell'immagine troviamo la parte esterna circostante al rene stesso.

Non resta a questo punto che applicare a tale immagine l'algoritmo di Dynamic Programming che ci permette di separare il tessuto renale da quello adiacente.

E' necessario, come primo passo, rintracciare il pixel di transizione, ovvero quello che separa la regione da segmentare da quella esterna, appartenente alla prima colonna dell'immagine in coordinate polari.

Tale pixel sarà il seme di partenza dal quale l'algoritmo partirà nel suo lavoro di segmentazione. Una volta trovato questo pixel, nel nostro caso manualmente, risulta necessario adesso fornire delle regole che permettano di scegliere di volta in volta su quale pixel spostarsi per portare a compimento la procedura. Per rispettare la continuità spaziale in coordinate cartesiane infatti, la scelta del pixel successivo in coordinate polari può ricadere solamente su 3 pixel adiacenti a quello selezionato. Per consentire la scelta di uno dei 3 pixel è necessario implementare una funzione costo.

La funzione costo viene calcolata per ciascuno dei 3 pixel possibili destinazione, ed infine viene scelto quello che la massimizza.

La funzione costo è composta da 3 contributi:

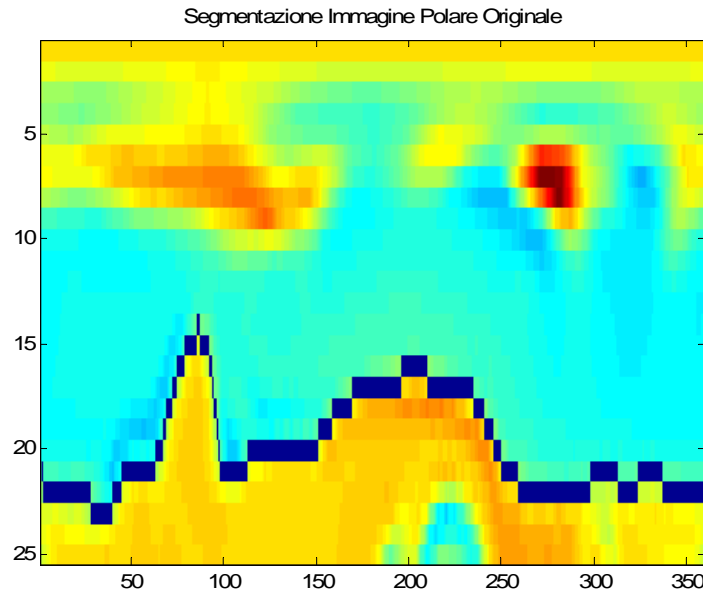
$$C(i,j)=P_g*g(i,j)+ P_c*c(i,j)+ P_d*d(i,j)$$

il primo rappresenta il contributo del gradiente, il secondo rappresenta il contributo dovuto all'intensità del segnale ed infine il terzo rappresenta il contributo dovuto alla distanza dei pixel.



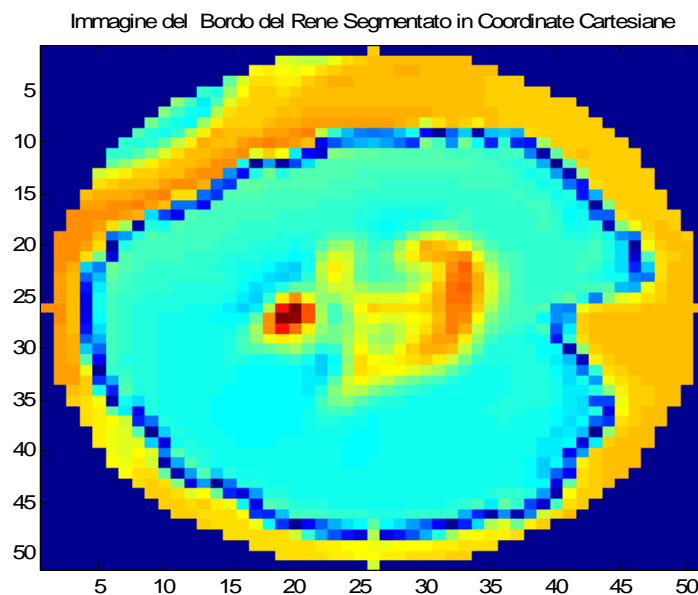
Questi contributi vengono pesati con  $P_g$ ,  $P_c$ ,  $P_d$  che rappresentano i pesi attribuiti ai rispettivi contributi.

Tale procedura una volta arrivata a termine, cioè all'ultima colonna dell'immagine evidenzia il bordo che separa il rene dalle zone circostanti.



*Fig.9: Segmentazione del bordo de rene con Dynamic Programming*

A questo punto si applica l'algoritmo inverso a quello di cambio di coordinate che riporta l'immagine polare (Fig 9) in coordinate cartesiane e ci mostra la segmentazione del rene (Fig 10).



*Fig.10: Segmentazione del rene con Dynamic Programming in coordinate cartesiane*

Dalle prove effettuate sul modello e sui dati reali si è verificato che l'algoritmo, dopo una prima ed indispensabile fase, necessaria per la valutazione dei pesi da utilizzare per la funzione di costo, riesce in ottima maniera a segmentare le immagini che sono state analizzate.

In tutti casi presi in considerazione l'algoritmo è riuscito a separare il tessuto dell'organo da quello circostante in maniera coerente.

Nonostante i buoni risultati ottenuti sull'immagine originale si è provato ad applicare a quest'ultima una procedura di clustering per verificare se tale idea portasse vantaggi all'algoritmo di segmentazione.

Gli algoritmi utilizzati sono stati l'algoritmo K-Means e l'Otsu, il secondo si è rivelato molto migliore dell'altro ma entrambi non hanno portato effettivi vantaggi alla procedura di segmentazione.